DOI：10.13866/j.azr.2024.03.07

干旱砾漠区不同微地貌单元土壤性状及真菌群落变化特征

杜华栋[1,2]，　刘　研[1]，　毕银丽[2]，　车旭曦[1]，　拜梦童[3]

（1. 西安科技大学地质与环境学院，陕西 西安　710054；2. 西安科技大学西部矿山生态环境修复研究院，陕西 西安　710054；3. 中交第二公路工程局第三工程有限公司，陕西 西安　710000）

摘　要： 探明干旱砾漠区不同微地貌单元土壤性状、真菌群落组成特征及其变化驱动因素，对于该区土壤真菌群落构建机制的理论研究和针对性生态损伤修复策略制定的实践指导具有重要意义。本文首先对比了干旱砾漠区4种微地貌单元（风蚀残丘、砾漠戈壁、河谷和风沙地）土壤理化性质、真菌α多样性及群落组成的变化特征，再结合不同微地貌单元植物群落特性和微气象因子测定，探究了各微地貌单元影响土壤真菌群落的主要生态因子。结果表明：（1）干旱砾漠区土壤均为砂质土壤，其中风沙地砂粒含量最大且黏粒含量最小，而河谷土壤粒径组成则相反；河谷和砾漠戈壁之间土壤容重和有机质含量无显著差异但显著高于其他两种微地貌单元；河谷土壤可溶性盐含量显著低于其他微地貌单元21.4%，但土壤含水量显著高出39.3%；速效养分中除砾漠戈壁的速效氮与速效钾、风蚀残丘的速效磷含量显著较低外，其他微地貌单元速效养分并未表现出显著性差异。（2）土壤真菌α多样性中，Shannon-Wiener指数、Pieloue指数和Simpson指数均表现为在风沙地显著降低而其他微地貌单元差异不明显，但Chao1多样性指数没有显著差异；真菌群落组成在门水平上，不同微地貌单元都以子囊菌门和担子菌门为优势菌门，其中子囊菌门在砾漠戈壁和风蚀残丘优势度最大，担子菌门在河谷占比最大；在属水平上，风蚀残丘的新凸轮孢菌属、暗茎草属，砾漠戈壁的新凸轮孢菌属、光黑壳，河谷的曲霉属、链格孢属，风沙地的金银花属、新凸轮孢菌属分别为各地貌单元土壤真菌群落优势属。（3）土壤含水量、有机质、速效氮、可溶性盐是影响干旱砾漠区不同微地貌单元土壤真菌群落结构变化的共同关键因子，风沙地的土壤机械组成、风蚀残丘的地表温度、光辐射强度、砾漠戈壁的地表风速和河谷的地表植被生物量分别为各自地貌单元影响土壤真菌群落的差异化生态因子。

关键词： 干旱砾漠区；微地貌单元；土壤理化性质；土壤真菌群落；生态因子

西北干旱或极端干旱气候区降水稀少、水资源短缺，导致植被稀疏、水土流失严重，是我国乃至全球的典型生态脆弱区[1]。近年来气候问题和人为活动干预，导致了干旱区发生了诸如地表水文循环受阻、植被退化和土壤盐碱化等一系列生态系统功能受损问题[2-3]，其中土壤由于在生态系统功能和过程中扮演着重要角色而成为当前干旱区生态学研究的热点问题之一。

干旱区土壤由于受气候、植被发育程度、地貌和水文条件等外因作用，干旱区表层土壤中石砾、砂粒含量较大[4-5]，干旱环境使得土壤物质长时间风化、物质迁移受限，因此区域内形成的土层薄、土壤贫瘠[6]，加之强烈的蒸发作用使得土壤水分长期处于负平衡状态[7]，土壤盐渍化严重，保持土壤功能的有效利用水分较少，同时干旱区较低水分承载力使得区内植被稀疏，参与养分循环的枯落物较少且分解速度较慢，养分循环受阻[8-9]，造成土壤元素计量的失衡，降低了土壤有机质、速效养分和总氮的含量。其次，干旱区土壤微生物对于维持干旱区生态系统的各项功能（如调节物质代谢和养分循环）具有十分重要的作用，其中土壤真菌作为土壤微生物区系的主要成员，占草地生态系统分解者生物总量

收稿日期： 2023-10-11；　**修订日期：** 2023-11-29
基金项目： 国家重点研发计划西部干旱区煤能源基地区域生态保护与资源综合利用技术课题三（2022YFF1303303）
作者简介： 杜华栋（1982-），男，副教授，研究方向为矿山生态修复及生态效益评价. E-mail: dddhhhddd@126.com
通讯作者： 毕银丽. E-mail: ylbi88@126.com

的78%~90%[10]，在土壤养分循环和地上生态系统的稳定性等方面起到了至关作用。有研究发现在较大空间尺度上扩散或限制气候因子是驱动土壤真菌群落多样性的关键因素[11-12]，而局域小尺度下土壤水分和理化性质、植被群落类型是决定真菌群落结构和多样性的驱动因素，极端干旱具有生态过滤作用，显著降低了总真菌、丰富和稀有真菌的β多样性，减弱了真菌物种间的相互作用[13]，且在土壤盐碱化严重的干旱区细菌群落潜在生物标志物的数量逐渐减少[14]，而荒漠草原降水量的增加对细菌多样性及群落组成产生极显著的直接正效应，可使土壤真菌群落丰富度指数增加[15]，也有研究表明土壤pH、有机质和矿物质也是真菌群落变化的驱动因子，特别土壤有机质对土壤真菌具有强烈的环境选择作用[16]。除土壤性质外，植被群落结构的变化也对真菌群落具有决定性作用，如草原灌丛化使得土壤真菌中镰刀菌属（*Fusarium*）、粗糙孔菌属（*Trechispora*）等真菌属在相对丰度上升，而角担菌属（*Ceratobasidium*）等真菌属的相对丰度下降，且土壤真菌功能也发生变化，腐生营养和病理营养功能增加，其中木质腐生真菌增幅最大[17-18]。

综上所述，目前关于干旱区土壤性状和真菌群落组成及其影响因素的研究主要集中在戈壁、荒漠等单一地貌类型区，而针对干旱砾漠区中小尺度上不同微地貌单元土壤理化性质空间异质性的对比研究较少，同时不同微地貌单元真菌群落多样性、组成及其与土壤理化性质的耦合关系研究仍有待深入。因此，本研究首先对比了干旱砾漠区不同微地貌单元土壤理化性状、真菌多样性及群落组成特征，同时结合不同微地貌单元植物群落特征和微气象因子的监测，探究了门属分类水平上影响真菌群落结构的主要生态因子。本研究可为干旱砾漠区真菌群落构建机制研究提供科学价值，同时亦可为干旱砾漠区不同微地貌单元针对性的生态损伤预防策略与修复措施的制定提供实践指导。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究区位于卡拉麦里山南麓的山前荒漠，属于干旱半干旱地区，隶属于新疆奇台县，地理坐标为90°26′~90°43′E，44°41′~44°31′N，海拔657~753 m。本区属于温带大陆性干旱荒漠气候，冬季寒冷、夏季炎热、昼夜温差大以及蒸散发强烈；多年平均气温为6.8 ℃，1月均温约−15.6 ℃，7月均温约24.5 ℃，多年平均降水量为180 mm，年蒸发量估计为1200~2400 mm。土壤以风沙土和棕钙土为主，另外有少量栗钙土以及碱土，土壤贫瘠。主要地表植被包括如梭梭（*Haloxylon ammodendron*）、白刺（*Nitraria tangutorum*）、浆果猪毛菜（*Salsola foliosa*）、角果藜（*Ceratocarpus arenarius*）、盐生假木贼（*Anabasis salsa*）等旱生及超旱生小半灌木及半灌木。

研究的干旱区微地貌单元可分为风蚀残丘、砾漠戈壁、河谷和风沙地四种[19]，其中风蚀残丘是砾漠间由于风蚀作用形成的纵剖面很平缓的风蚀残丘；砾漠戈壁是经过长期剥蚀而形成洪积−冲积的砾石地带，通常地形起伏很小，覆盖着残积的黑色碎石砾幕；河谷是临时性的水流在风蚀残丘下部形成宽大的河谷地貌；风沙地是由于白刺和盐穗木（*Halostachys caspica*）等灌木对风沙的阻挡形成半固定型小沙丘。

1.2 样地设置、土壤采样及样品处理

分别对研究区内风蚀残丘、砾漠戈壁、河谷和风沙地4种微地貌单元进行土壤样品采集和植被调查，其中砾漠戈壁、风沙地和河谷样地选择在各自微地貌单元具有代表性的位点，而对具有阴阳坡差异的风蚀残丘，本研究考虑到干旱区植被分布格局，风蚀残丘样地选择在有植物群落分布的阴坡，4种微地貌单元每种至少选择15个样地重复且尽量在研究区内均匀分布（图1）。

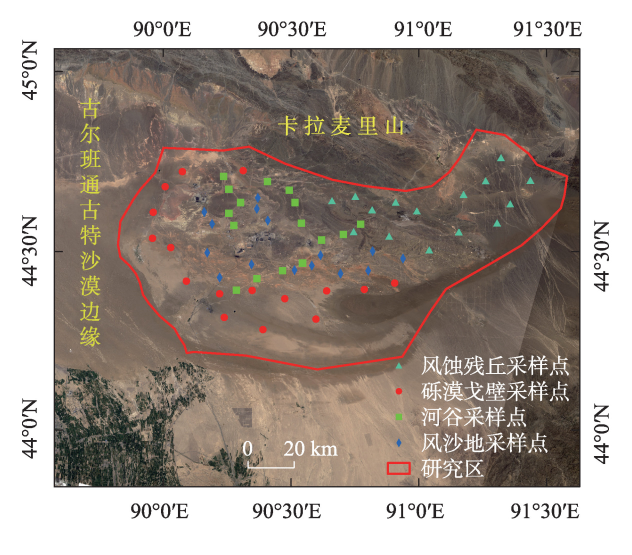


图1 研究区位置及样地点

Fig. 1 Location and sample site of study area

每个样地随机设3个2 m×2 m的植被调查样方，调查各个样方的植物覆盖度和植物密度，并剪取主要物种地上生物量，带回实验室，85 ℃下烘干称重计算地上生物量，详细植被数据见表1；同时土壤取样为土钻加剖面取土结合的方法采集地表0~20 cm表层土壤，每个样地内随机选取10点进行土壤取样，采样时去除土壤表面动植物残体，并将采集的土壤分为三部分：一部分使用5 mL离心管放入便携式冰箱中带回实验室，存放在-80 ℃下，用于土壤真菌群落组成和多样性分析；一部分装入密封袋中带回实验室，经自然风干用于土壤理化性质测定；一部分土样采集后立即放入铝盒中，用于土壤水分测定。此外，在采样过程中，对样地微气象因子（地表温度、空气温度、光辐射强度、地表蒸发量和地表风速）均采用Vantage Pro2手持式小型自动气象站持续测量获取（详细微气象因子数据见表1），并考虑到天气对于气象因子的影响明显，故收集时间集中在2021年和2022年8月5日至15号无云天气条件下午14:00~15:00点。

1.3 土壤理化性质测定

土壤理化性质测定[20]：土壤机械组成采用激光衍射法测定；土壤容重采用标准环刀法测定；土壤pH采用电极电位法测定（土水质量比为1:2.5）；土壤有机质采用重铬酸盐氧化法测定；速效氮（碱解氮）采用蒸馏法测定；速效磷采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定；速效钾采用乙酸铵浸提—火焰光度计法测定；可溶性盐采用电导率法计算测定[21]。

1.4 土壤DNA提取与高通量测序分析

根据土壤DNA提取试剂盒（Power Soil®DNA）的使用说明，从0.5 g土壤样品中提取土壤DNA，具体步骤参照操作说明书进行。使用分光光度计（NANo DROP ONE^{C}，Thermo Fisher Scientific，美国）检测DNA纯度和浓度，所有提取的DNA样品在测序之前，均密封在-80 ℃的冰箱保存备用，提取的DNA送往上海派森诺生物科技有限公司进行Illumina MiSeq高通量测序。

采用Illumina Novaseq平台进行群落DNA片段进行双端测序，使用PCR通用引物ITS5F（GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG）和ITS1R（GCTCCGTTCTTCATCGATGC）扩增ITS1（a）区域。PCR扩增条件为：94 ℃预变性5 min；95 ℃变性30 s；55 ℃退火30 s；72 ℃延伸45 s；72 ℃后延伸10 min，共30个循环。将PCR扩增产物浓度大于0.5 ng·μL^{-1}的样本进行扩增子测序。通过QIIME 2（2019.4）软件中进行去引物、质量过滤、去噪，拼接和去嵌合体等步骤；使用Vsearch（v2.13.4-linux-x86-64）和cutadapt（v2.3）对98%相似度水平高质量序列进行聚类，输出代表序列和OTU（Operational Taxonomic Unit，分类学操作单元）表。采用QIIME 2的classifier-sklearn算法对OTU的代表性序列进行分类学比对；物种由真菌UNITE数据库（Release 8.0）进行注释。

1.5 数据分析

论文所有数据采用SPSS 22.0软件对数据进行统计检验，结果用平均值±标准偏差（SD）表示，单因素方差分析（ANOVA）和最小显著差异（LSD）多重比较（P<0.05）比较不同微地貌单元数据间的差异，评估干旱砾漠区不同微地貌单元土壤理化性质、真菌多样性和群落组成的变化特征。使用Canoco 5.0进行冗余分析（RDA）用于检查土壤理化性质、微气象因子、植物指标和真菌群落之间的关系，相关显著性用Monte Carlo法进行检验[22]，同时为使植物群落指标和环境因子的数据获得正态分布，对所分析

表1　干旱砾漠区不同微地貌单元生态因子

Tab. 1　Ecological factors in different microgeomorphic units in arid gravel desert rea

生态因子	风蚀残丘（n=15）	砾漠戈壁（n=15）	河谷（n=15）	风沙地（n=15）
植物覆盖度/%	20.80±6.83ab	18.61±3.93b	32.50±10.52a	19.40±9.0ab
植物密度/（株·m^{-2}）	36.00±15.87b	31.80±6.79b	220.25±43.31a	61.80±8.62ab
生物量/（g·m^{-2}）	19.29±2.67a	15.65±2.09a	27.67±5.80a	18.56±2.51a
地表温度/℃	34.12±1.93a	35.70±1.06a	35.35±5.96a	34.92±5.12a
空气温度/℃	32.28±1.98a	31.80±2.33a	32.08±0.18a	33.46±0.34a
地表蒸发量/mm	603.30±65.21a	302.35±28.35a	330.25±18.65a	485.58±52.60a
光辐射强度/（W·m^{-2}）	930.82±42.29a	735.49±33.68a	938.43±42.70a	923.94±31.57a
地表风速/（m·s^{-1}）	2.89±1.16a	3.44±2.90a	2.87±1.26a	3.09±2.92a

注：不同小写字母表示不同微地貌单元中生态因子之间差异显著（P<0.05）；相同字母则表示无显著差异（P>0.05）；n代表样地数量。下同。

数据均进行lg(x+1)转换。此外采用结构方程建模(SEM)来评估土壤理化指标、植物指标对真菌群落的直接和间接影响,使用路径分析观察变量间的因果关系,并计算路径系数、选择模型适配度,查验结构方程模型与预设模型是否合理以及通过卡方值、拟合度等指标评估模型质量,未达到模型适配标准得指标,通过模型修正,使其合理可信。每项测试的标准遵循之前的研究[23],所有SEM分析均在AMOS 21.0中进行。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

干旱砾漠区土壤机械组成以砂粒为主(平均58.7%),粉粒占32.2%,而黏粒含量仅占9.06%。其中风沙地土壤机械组成中砂粒含量占80.9%,高于其他3种微地貌(P<0.05),而在河谷土壤内黏粒和粉粒含量分别占39.9%和12.6%,高于其他3种微地貌(P<0.05);河谷土壤容重分别高于风蚀残丘、砾漠戈壁和风沙地33.6%、8.8%和27.8%(P<0.05);河谷土壤含水量分别高于风蚀残丘、砾漠戈壁和风沙地85.7%、57.7%和54.3%(P<0.05);砾漠戈壁中土壤可溶性盐高于风蚀残丘、河谷和风沙地21.8%、39.2%和25.8%(P<0.05);而土壤pH则在不同微地貌间均无显著差异(表2)(P>0.05)。

干旱砾漠区土壤养分中河谷有机质含量分别高于风蚀残丘、砾漠戈壁和风沙地184%、41.0%和170%(P<0.05);而不同微地貌单元速效养分中,砾漠戈壁速效氮含量低于风蚀残丘、河谷和风沙地137.4%、75.3%和74.9%(P<0.05);风蚀残丘速效磷含量低于砾漠戈壁、河谷和风沙地7.6%、25.6%和56.4%(P<0.05);砾漠戈壁速效钾含量低于风蚀残丘、河谷和风沙地138.5%、61.9%和45.7%(表2)(P<0.05)。

2.2 土壤真菌α多样性分析

干旱砾漠区不同微地貌下OTUs覆盖度均高于98%,表明具有足够的测序深度。其中风蚀残丘土壤Shannon-Wiener指数、Simpson指数显著高于风沙地48%、27%(P<0.05),砾漠戈壁土壤Pieloue指数显著高于风沙地21.4%(P<0.05);而Chao1指数在不同微地貌间均无显著差异(图2)(P>0.05)。

2.3 土壤真菌群落组成分析

对干旱砾漠区不同微地貌单元土壤样品测序后进行分析,双端测序共获得4.29×10^{6}个序列,去噪后序列是3.61×10^{6}个,去除嵌合体后的序列是3.41×10^{6}个,OTU在97%相似度水平下聚类后得到5165个OTU,在UNITE数据库中注释后共得到235个门,342个纲,508个目,485个科,1310个属,2480个种。分别选取干旱砾漠区真菌群落组成中门和属水平上丰度排名前10的门和属进行分析,并将所有样本中未分类和相对丰度小于0.1%的物种归为其他。不同微地貌单元的土壤真菌在门分类水平上主要是由两大类真菌组成(图3),占据主导地位是子囊菌门,其平均相对丰度为57.5%,担子菌门为第二大优势菌门,其平均相对丰度占5.2%;子囊菌门在砾漠戈壁和风蚀残丘微地貌中相对丰度为66.7%和61.9%,高于其他微地貌(P<0.05);担子菌门在河谷微地貌中相对丰度为9.0%,高于其他微地貌(P<0.05)。

表2 干旱砾漠区不同微地貌单元土壤理化性质

Tab. 2 Soil physicochemical properties of different microgeomorphic units in arid gravel desert area

土壤理化性质		风蚀残丘	砾漠戈壁	河谷	风沙地
土壤机械组成/%	黏粒	10.01±8.45ab	10.19±7.88ab	12.67±6.99a	3.39±2.31b
	粉粒	37.35±19.42a	35.86±16.74a	39.91±19.74a	15.69±6.37b
	砂粒	52.64±27.88ab	53.95±24.39ab	47.42±25.58b	80.92±8.66a
土壤容重/(g·cm^{-3})		1.10±0.24b	1.35±0.20ab	1.47±0.15a	1.15±0.16b
pH		9.13±0.56a	8.99±0.41a	9.06±0.29a	9.15±0.60a
土壤含水量/%		2.31±0.04b	2.72±0.01ab	4.29±0.02a	2.78±0.02ab
有机质/(g·kg^{-1})		1.49±0.51b	2.80±0.61ab	3.96±0.81a	1.46±0.82b
速效氮/(mg·kg^{-1})		61.89±31.03a	26.07±6.47b	45.72±29.11ab	45.60±30.68ab
速效磷/(mg·kg^{-1})		0.39±0.13b	0.42±0.14ab	0.49±0.20ab	0.61±0.31a
速效钾/(mg·kg^{-1})		64.84±26.13a	27.18±6.81b	44.01±19.19ab	39.61±26.45ab
可溶性盐/%		0.32±0.10ab	0.39±0.09a	0.28±0.07b	0.31±0.06ab

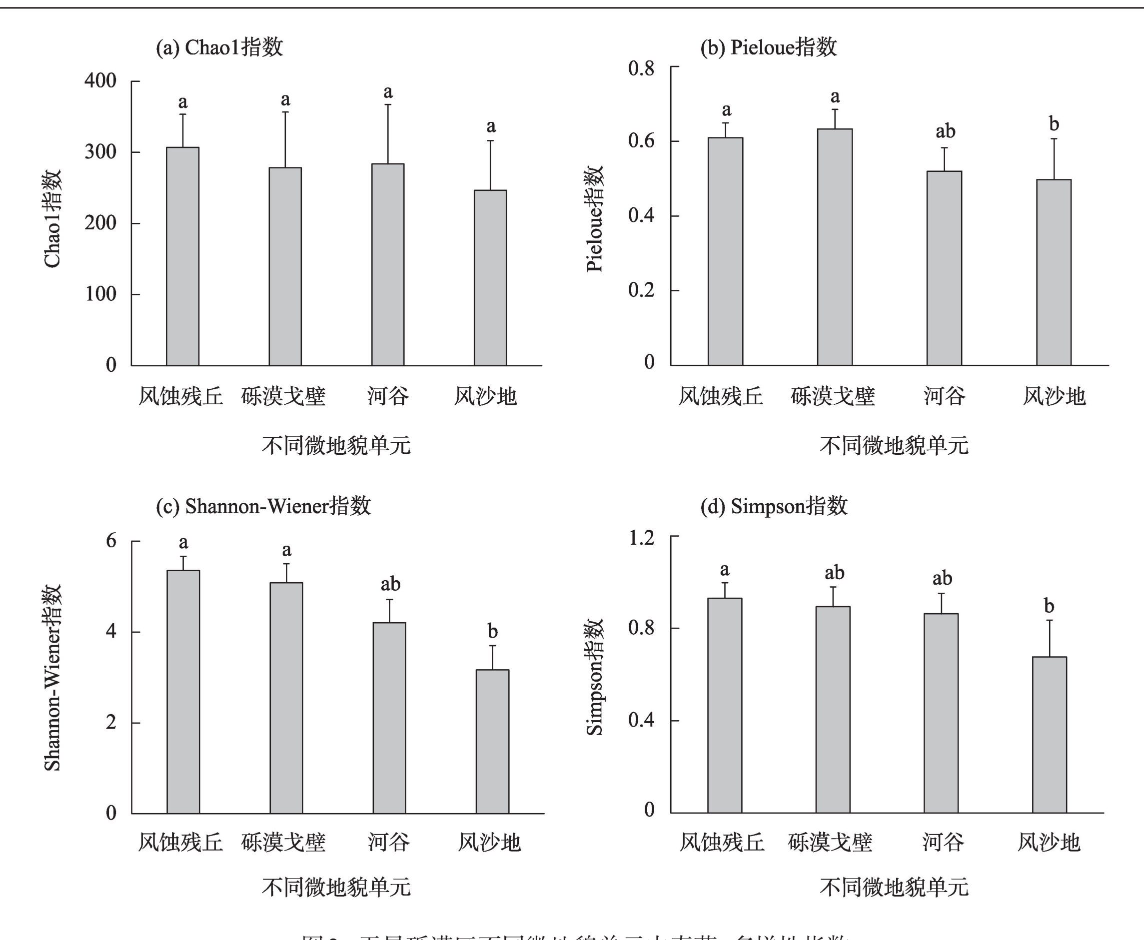
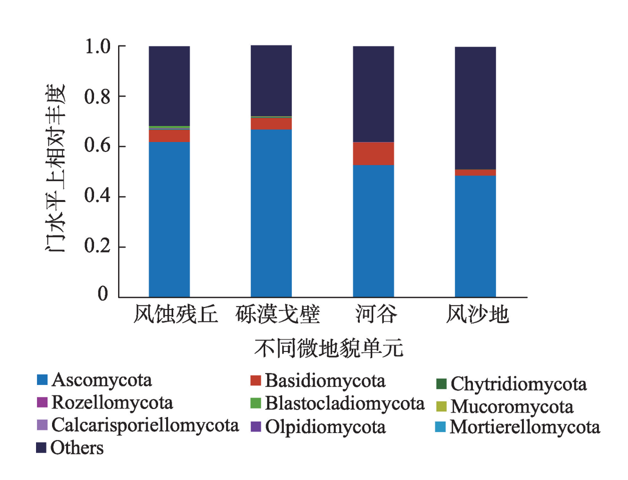


图2 干旱砾漠区不同微地貌单元中真菌α多样性指数

Fig. 2 Diversity index of fungi α community under different microgeomorphic units in arid gravel desert area



注:Ascomycota 为子囊菌门;Basidiomycota 为担子菌门;Chytridiomycota 为壶菌门;Mortierellomycota 为被孢霉门;Rozellomycota 为罗兹菌门;Blastocladiomycota 为芽枝霉门;Mucoromycota 为毛霉门;Olpidiomycota 为油壶菌门;Calcarisporiellomycota 为铲孢囊菌门。

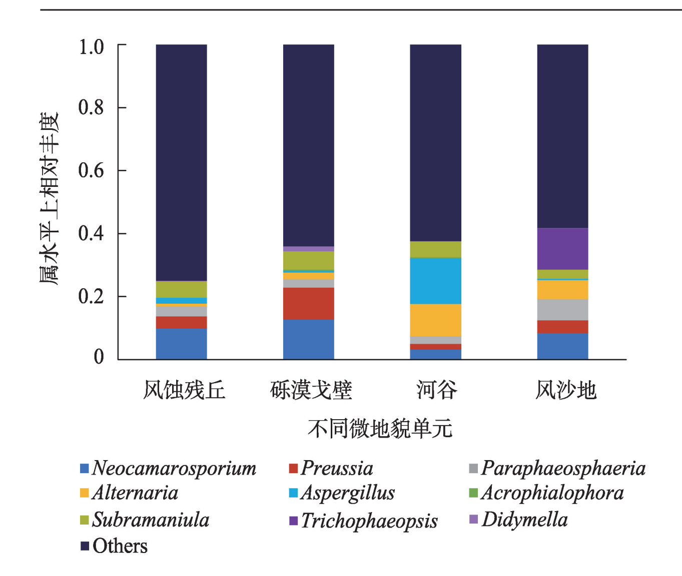
图3 干旱砾漠区不同微地貌单元土壤真菌在门水平上的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of soil fungi in different microgeomorphic units in arid gravel desert area at the phylum level

不同微地貌单元的土壤真菌在属分类水平上主要是由10类真菌组成(图4),其中新凸轮孢菌属、光黑壳属、链格孢属、暗茎草属、曲霉属、盾壳霉属、金银花属、端梗孢属为干旱砾漠区主要菌属,其平均相对丰度分别为8.6%、4.9%、4.8%、4.6%、4.3%、3.7%、3.2%、1.9%。在不同微地貌单元中优势菌属也不相同,在风蚀残丘地貌中新凸轮孢菌属、暗茎草属是主要优势属,相对丰度分别为9.9%、5.1%;在砾漠戈壁地貌中新凸轮孢菌属、光黑壳属是主要优势菌属,相对丰度分别为12.7%和10.1%;在河谷地貌中曲霉属、链格孢属是主要优势菌属,相对丰度分别为14.5%和10.3%;在风沙地地貌中金银花属、新凸轮孢菌属是主要优势菌属,相对丰度分别为13.0%、8.4%。

2.4 土壤理化性质与土壤真菌群落的关系

对干旱砾漠区不同微地貌单元土壤真菌优势门、属和土壤因子进行冗余分析(图5),其中风蚀残丘中第一轴、第二轴对真菌群落结构的解释度分别为48.65%和24.51%,共解释73.16%的群落结构变



注：*Neocamarosporium* 为新凸轮孢菌属；*Preussia* 为光黑壳属；*Paraphaeosphaeria* 为盾壳霉属；*Alternaria* 为链格孢属；*Aspergillus* 为曲霉属；*Acrophialophora* 为端梗孢属；*Subramaniu* 为暗茎草属；*Trichophaeopsis* 为金银花属；*Didymella* 为亚隔孢壳属。

图4 干旱砾漠区不同微地貌单元土壤真菌在属水平上的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of soil fungi in different microgeomorphic units in arid gravel desert area at the genus level

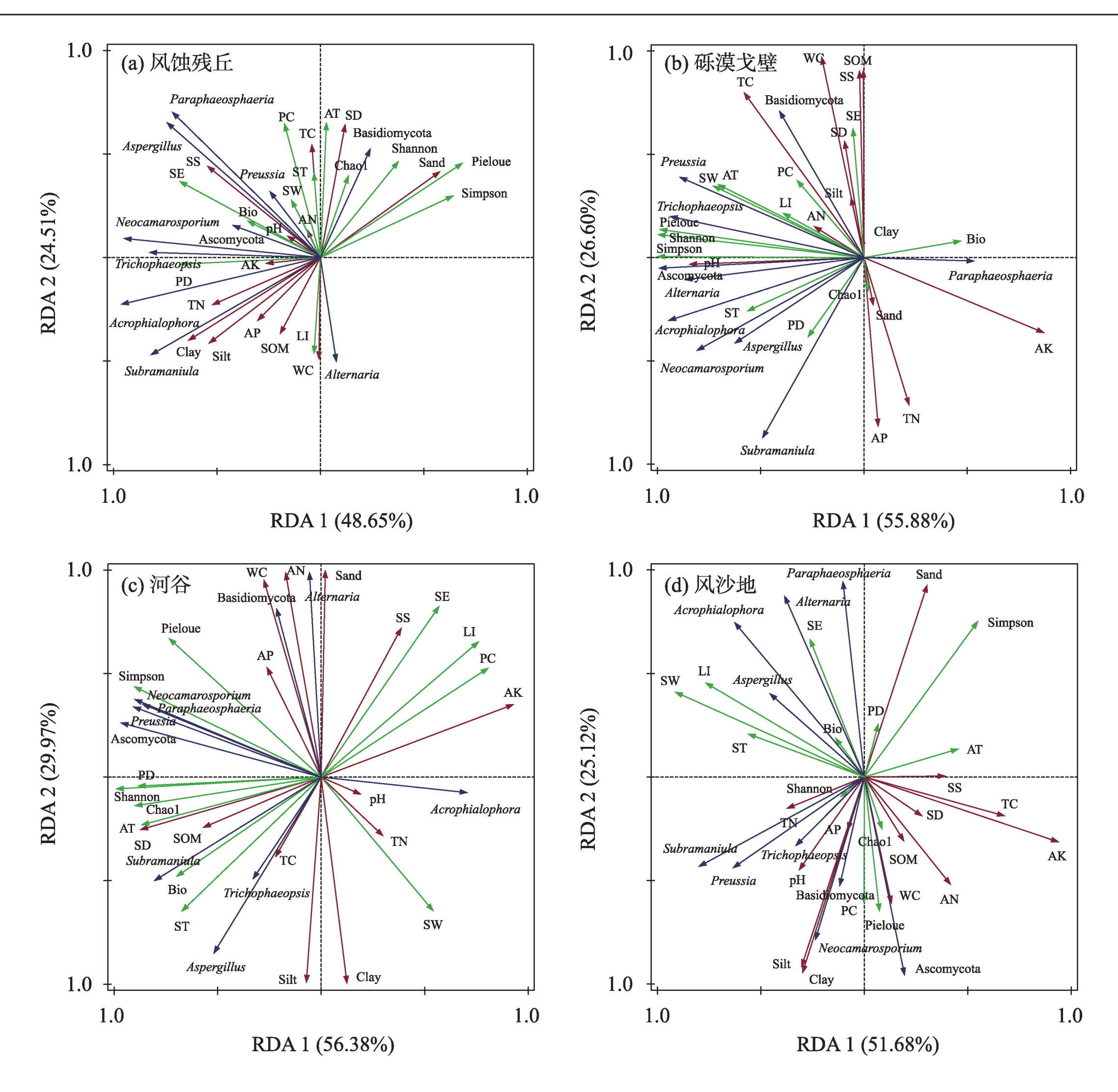
化；砾漠戈壁中第一轴、第二轴对真菌群落结构的解释度分别为55.88%和26.60%，共解释82.48%的群落结构变化；河谷中第一轴、第二轴对真菌群落结构的解释度为56.38%和29.97%，共解释86.35%的群落结构变化；风沙地中横、纵坐标第一轴、第二轴对真菌群落结构的解释度分别为51.68%和25.12%，共解释76.8%的群落结构变化。子囊菌门与干旱砾漠区中含水量、速效氮、有机质、土壤容重、总氮和总碳呈正相关关系，与植物密度、光辐射强度和速效钾呈负相关关系；风蚀残丘和砾漠戈壁中子囊菌门与可溶性盐、地表风速、地表蒸发量和光辐射强度呈正相关关系，而与河谷和风沙地中子囊菌门呈负相关关系；担子菌门与干旱砾漠区中土壤容重、植物覆盖度、总碳、速效氮和可溶性盐呈正相关关系，与植物生物量、光辐射强度和总氮呈负相关关系；砾漠戈壁、河谷和风蚀残丘中担子菌门与含水量、砂粒呈正相关关系，与风沙地中担子菌门呈负相关关系。在干旱砾漠区相对丰度较高优势菌属中，新凸轮孢菌属与有机质、速效氮、含水量、植被覆盖度和土壤容重呈正相关关系；暗茎草属与总氮、速效磷、速效氮和有机质呈正相关关系，与可溶性盐呈负相关关系；光黑壳属与土壤容重、总碳、速效氮和可溶性盐呈正相关关系；曲霉属与地表温度、总氮和速效磷呈正相关关系，与有机质呈负相关关系；端梗孢属与总氮呈正相关关系，与土壤容重、可溶性盐、有机质、总碳和含水量呈负相关关系。

为估算环境因子对土壤真菌群落的贡献，通过结构方程进行分析（图6），干旱砾漠区不同微地貌单元中对土壤优势真菌门、属具有负影响主要为可溶性盐，同时风蚀残丘的光辐射强度（−0.407）、地表温度（−0.292）、砾漠戈壁的地表风速（−0.546）和风沙地的砂粒（−0.361）也对土壤优势真菌门、属具有负影响；干旱砾漠区不同微地貌单元中对土壤优势真菌门、属具有正影响主要为有机质和含水量，此外，对砾漠戈壁土壤优势菌门、属具有显著正影响为速效氮（0.140），对河谷中土壤优势菌门、属具有显著正影响为植物生物量（0.355）和速效氮（0.560），对风沙地土壤优势菌门、属具有显著正影响为速效氮（0.152）。

3 讨论

3.1 干旱砾漠区不同微地貌单元的土壤理化性质变化

新疆干旱砾漠区不同微地貌单元土壤均以沙质土为主，且土壤含水量较小，但这些土壤特征在不同微地貌形成机理存在差异，其中风蚀残丘地貌其地表严重的风蚀、水蚀和冻融侵蚀作用，使得风蚀残丘地貌表层土壤松散且以砂、粉粒居多，因此土壤水分难以贮存[24]；砾漠戈壁表层土壤为粗砂粒和砾石为主，裸露的砾石吸收使得地表温度变化强烈，水分迅速蒸发强烈；风沙地的形成由于多年生小灌木对风沙颗粒拦截作用形成，地表以松散砂粒为主，土壤水分蒸发强烈[25]；与上述3种微地貌不同，河谷地貌因季节性河流，在春季丰水期可汇聚有效的水分和养分，使得河谷土壤黏粒、含水量较高[26]。同时研究区强烈的蒸发作用也使得土壤可溶性含量较高，尤其是砾漠戈壁土壤可溶性盐含量达到0.39%，因为从生态因子监测看出砾漠戈壁地表温度和风速高于其他微地貌，加剧了表层水分蒸发，导致砾石下部底层盐分随水分上移聚集在地表[27]，与之相反河谷土壤可溶性盐含量较低，一方面河谷地貌春季丰水期径流有压盐作用，将地表累积的盐分运移至深层土壤[28]，另一方面部分聚盐植



注：蓝色箭头表示真菌群落；绿色箭头表示真菌多样性指数、气象因子；棕色箭头表示土壤理化特性；Clay为黏粒；Silt为粉粒；Sand为砂粒；SD为土壤容重；pH为土壤酸碱度；WC为含水量；SOM为有机质；AN为速效氮；AP为速效磷；AK为速效钾；SS为可溶性盐；TC为总碳；TN为总氮；PC为植物覆盖度；PD为植物密度；AT为空气温度；ST为地表温度；Bio为植物生物量；SE为地表蒸发量；LI为光辐射强度；SW为地表风速。

图5　不同微地貌单元冗余分析

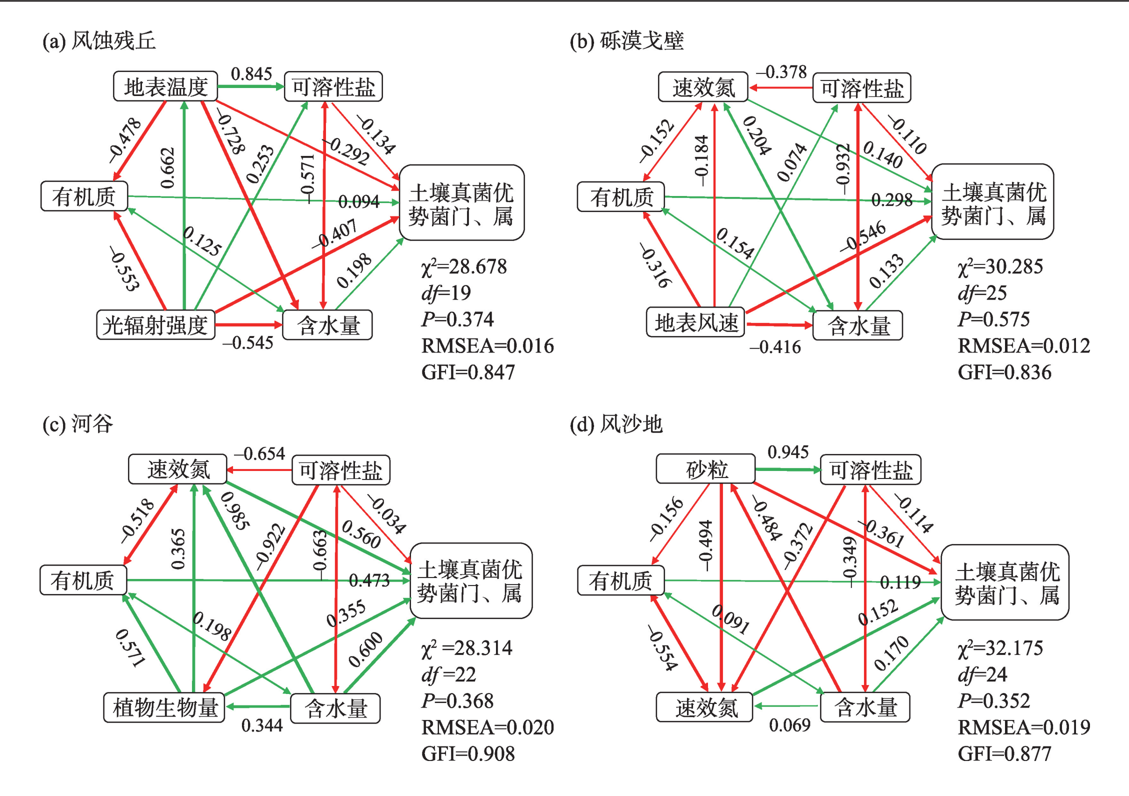
Fig. 5　Redundancy analysis of different microgeomorphic units

物吸收了土壤中的盐分，如浆果猪毛菜(*Salsola foliosa*)，有效降低了土壤中可溶性盐含量。

干旱砾漠区植被稀疏且风蚀作用强烈，加之表层土壤干燥，造成土壤-植物养分循环受阻[29]，导致干旱砾漠区养分普遍较低。相对而言研究区砾漠戈壁土壤有机质较风蚀残丘和风沙地高，其中砾漠戈壁土壤有机质含量较高与其他戈壁地区相关研究存在差异[30]，这可能是研究区砾漠戈壁形成的坚硬的砾幕，有效减小了砾石下养分含量较高的细小土壤颗粒被吹蚀[31]；而河谷因季节性径流影响，该地貌单元植物群落丰富且生物量大，同时河谷地的凹陷地形相对小的风速有利于富含有机质的细小颗粒物和植物枯落物积累。而风蚀残丘和风沙地土壤砂粒居多，表层土壤保水保肥能力差[32]，同时野外调查表明以上两种地貌地上植物生物量较少，导致植物残体向土壤有机质转化过程受阻，导致有机质较低；风蚀残丘中速效氮高于其他微地貌，主要是速效氮以离子态吸附在土壤颗粒上存在[33]，而风蚀残丘阴坡白皮锦鸡儿(*Caragana leucophloea*)等豆科植物生长可促进土壤内部氮元素转化。

3.2　干旱砾漠区不同微地貌单元的土壤真菌α多样性及群落结构组成变化

干旱砾漠区真菌Shannon-Wiener指数、Pieloue指数和Simpson指数除在风沙地貌显著降低外，而



注:箭头上的数字是标准化的解析路径系数,红色实线表示标准化回归权值为负值,绿色实线表示标准化的回归权重为正值,线的粗细表示路径系数的大小。χ^2为卡方值;*df*为模型自由度;*P*为显著性值;RESEA为近似误差均方根;GFI为拟合优度指数。

图6 土壤理化性质、植物、气象因子与土壤真菌优势菌门、属的结构方程模型

Fig. 6 Structural equation model diagram of soil physical and chemical properties, plants, meteorological factors and dominant fungi phylum and genus

其他微地貌间无明显差异,表明研究区不同地貌间土壤真菌群落经过本地气候条件长期的筛选和进化,真菌群落组成有效的适应了各地貌不同的生境,造成土壤真菌多样性无明显差异,而风沙地真菌多样性较其他地貌降低,这可能仍是由于研究区风沙地的形成由于多年生小灌木对风沙颗粒拦截作用形成的,每年表层新拦截的风沙颗粒组成松散的堆积层,表层土壤水分和养分偏低,致使成土作用微弱,导致该地貌真菌优势菌群较少[34]。

本研究中土壤真菌群落在门水平上都以子囊菌门、担子菌门为主,这与在新疆干旱区真菌群落研究的结果相近[35]。砾漠戈壁和风蚀残丘的子囊菌门丰度较高,这有可能是因为砾漠戈壁区域内有机质富集效应,因为子囊菌门作为腐生真菌,其主要功能为分解植物残体和降解有机质[36],风蚀残丘阴坡内速效养分丰富,加之两种微地貌中植被多以耐盐、耐旱性植物为主,冗余分析亦表明子囊菌门与有机质、速效氮呈正相关,与可溶性盐呈负相关,为子囊菌门真菌提供了适宜的土壤环境;担子菌门丰度在河谷较高,可能是河谷由季节性河水形成,水分与养分较好,植被覆盖度和丰富度都较高,因此有利于分解木质化植物残体的担子菌门真菌繁殖,同时担子菌门与速效氮、含水量呈正相关,促进担子菌门菌群的增长与繁殖。在属水平上,新凸轮孢菌属、暗茎草属、光黑壳属、链格孢属、金银花属、曲霉属为干旱砾漠区的主要菌属,且这些菌属均来自于子囊菌门,这与前人关于沙漠固沙植物根系土壤真菌研究结果相似[37]。但本研究中风蚀残丘、砾漠戈壁和风沙地都有较高丰度的新凸轮孢菌属,该菌属属于嗜盐菌,与盐碱化生境中盐生植物有着密切联系[38],而河谷中则有较高丰度的曲霉属和链格孢属,这两类菌属具有降解土壤木质素、产活性代谢产物和促进植物生长和提高盐耐受性能[39]。

4 结 论

通过分析干旱砾漠区不同微地貌单元上土壤理化性质和真菌群落组成的变化特征,结合气象因子和植物群落的监测,探究了影响干旱区土壤性状

及真菌群落结构的主要因子,主要得出以下结论:

(1)干旱砾漠区土壤均为砂质土壤,其中风沙地砂粒含量最大且黏粒含量最小,而河谷砂粒含量最小且黏粒含量最大;河谷和砾漠戈壁之间土壤容重和有机质含量无显著差异但显著高于其他两种微地貌,同时河谷土壤可溶性盐含量显著低于其他微地貌单元,但土壤含水量显著高于其他微地貌单元;速效养分中砾漠戈壁的速效氮与速效钾、风蚀残丘速效磷含量显著较低,其他微地貌中速效养分均无显著差异。

(2)干旱砾漠区真菌Shannon-Wiener指数、Pieloue指数和Simpson指数均表现为在风沙地貌显著降低而其他微地貌间差异不明显,但Chao1指数无显著差异;土壤真菌组成在门水平上以子囊菌门和担子菌门为主要优势菌门,而在属水平上风蚀残丘的新凸轮孢菌属和暗茎草属、砾漠戈壁的新凸轮孢菌属和光黑壳属、河谷的曲霉属和链格孢属和风沙地的金银花属和新凸轮孢菌属分别为各自微地貌单元的优势属,这些优势菌属属于腐生、病原和内生菌,具有促生和抗逆等特性,在盐碱和干旱等极端环境具有较强适应性。

(3)土壤含水量、有机质、速效氮、可溶性盐是影响干旱砾漠区不同微地貌单元土壤真菌群落结构变化的共同关键因子,而风沙地的土壤机械组成、风蚀残丘的地表温度和光辐射强度,砾漠戈壁的地表风速和河谷的地表植被生物量分别为各自地貌单元影响土壤真菌群落的差异化生态因子。

参考文献(References):

[1] 陈曦, 姜逢清, 王亚俊, 等. 亚洲中部干旱区生态地理格局研究[J]. 干旱区研究, 2013, 30(3): 385-390. [Chen Xi, Jiang Fengqing, Wang Yajun, et al. Characteristics of the eco-geographical pattern in arid land of central Asia[J]. Arid Zone Research, 2013, 30(3): 385-390.]

[2] 胡汝骥, 樊自立, 王亚俊, 等. 中国西北干旱区的地下水资源及其特征[J]. 自然资源学报, 2002, 17(3): 321-326. [Hu Ruji, Fan Zili, Wang Yajun, et al. Groundwater resources and their characteristics in arid lands of Northwest China[J]. Journal of Natural Resources, 2002, 17(3): 321-326.]

[3] 张丙乾. 新疆土壤盐碱化及其防治[J]. 干旱区研究, 1993, 10(1): 55-61. [Zhang Bingqian. Soil salinization and its prevention in Xinjiang[J]. Arid Zone Research, 1993, 10(1): 55-61.]

[4] 赵晨光, 李慧瑛, 鱼腾飞, 等. 腾格里沙漠东北缘人工植被对土壤物理性质的影响[J]. 干旱区研究, 2022, 39(4): 1112-1121. [Zhao Chenguang, Li Huiying, Yu Tengfei, et al. Effects of artificial vegetation construction on soil physical properties in the northeastern edge of Tengger Desert[J]. Arid Zone Research, 2022, 39(4): 1112-1121.]

[5] Lv W, Qiu Y, Xie Z, et al. Gravel mulching effects on soil physicochemical properties and microbial community composition in the Loess Plateau, northwestern China[J]. European Journal of Soil Biology, 2019, 94(10): 103-115.

[6] 郭泽呈, 魏伟, 石培基, 等. 中国西北干旱区土地沙漠化敏感性时空格局[J]. 地理学报, 2020, 75(9): 1948-1965. [Guo Zecheng, Wei Wei, Shi Peiji, et al. Spatiotemporal changes of land desertification sensitivity in the arid region of Northwest China[J]. Acta Geographica Sinca, 2020, 75(9): 1948-1965.]

[7] Yinglan A, Wang G, Liu T, et al. Spatial variation of correlations between vertical soil water and evapotranspiration and their controlling factors in a semi-arid region[J]. Journal of Hydrology, 2019, 574(14): 53-63.

[8] Wang Y, Zhao Y, Yan L, et al. Groundwater regulation for coordinated mitigation of salinization and desertification in arid areas[J]. Agricultural Water Management, 2022, 271(12): 107758.

[9] Yan M, Zuo H, Wang H, et al. Snow resisting capacity of *Caragana microphylla* and *Achnatherum splendens* in a typical steppe region of Inner Mongolia, China[J]. Journal of Arid Land, 2020, 12(2): 294-302.

[10] Kjoeller A, Struwe S. Microfungi in ecosystems: Fungal occurrence and activity in litter and soil[J]. Oikos, 1982(6), 391-422.

[11] Li P, Li W, Dumbrell A J, et al. Spatial variation in soil fungal communities across paddy fields in subtropical China[J]. Msystems, 2020, 5(1): 704-719.

[12] Yang Y, Wu P. Soil bacterial community varies but fungal community stabilizes along five vertical climate zones[J]. Catena, 2020, 195(5): 104841.

[13] 徐鹏, 荣晓莹, 刘朝红, 等. 极端干旱对温带荒漠土壤真菌群落和生态网络的影响[J]. 生物多样性, 2022, 30(3): 70-83. [Xu Peng, Rong Xiaoying, Liu Chaohong, et al. Effects of extreme drought on community and ecological network of soil fungi in a temperate desert[J]. Biodiversity Science, 2022, 30(3): 70-83.]

[14] 郭晓雯, 杜思垚, 王芳霞, 等. 长期咸水滴灌对棉田土壤细菌和真菌群落结构的影响[J]. 新疆农业科学, 2022, 59(12): 2909-2923. [Guo Xiaowen, Du Siyao, Wang Fangxia, et al. Effects of long-term saline water irrigation on soil bacterial and fungi community structure in cotton field[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2022, 59(12): 2909-2923.]

[15] 郭蓉, 吴旭东, 王占军, 等. 荒漠草原土壤细菌和真菌群落对降水变化的响应[J]. 应用生态学报, 2023, 34(6): 1500-1508. [Guo Rong, Wu Xudong, Wang Zhanjun, et al. Response of soil bacteria and fungal communities to altered precipitation in desert steppe[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023, 34(6): 1500-1508.]

[16] Glassman S I, Wang I J, Bruns T D. Environmental filtering by pH and soil nutrients drives community assembly in fungi at fine spatial scales[J]. Molecular Ecology, 2017, 26(24): 6960-6973.

[17] 张鹏, 李颖, 王业林, 等. 短脚锦鸡儿灌丛对植物群落和土壤微生物群落的促进效应研究[J]. 干旱区研究, 2021, 38(2): 421-428. [Zhang Peng, Li Ying, Wang Yelin, et al. The positive effect

of *Caragana breviflora* shrubs on plant communities and soil microbial communities in the Inner Mongolia desert region[J]. Arid Zone Research, 2021, 38(2): 421–428.]

[18] Manzoni S, Katul G, Fay PA, et al. Modeling the vegetation-atmosphere carbon dioxide and water vapor interactions along a controlled CO_2 gradient [J]. Ecol Model, 2011, 222(3): 653–665.]

[19] 中国科学院新疆综合考察队, 地理研究所, 北京师范大学地理系. 新疆地貌[M]. 北京: 科学出版社, 1978. [Xinjiang Comprehensive Investigation Team of China Academy of Sciences, Institute of Geography, Department of Geography, Beijing Normal University. Xinjiang Geomorphology[M]. Beijing: Science Press, 1978.]

[20] 尚浩博. 资源环境常规分析方法[M]. 杨凌: 西北农林科技大学出版社, 2010. [Shang Haobo. Conventional Analysis Methods of Resources and Environment[M]. Yangling: Northwest A & F University Press, 2010.]

[21] 何文寿, 刘阳春, 何进宇. 宁夏不同类型盐渍化土壤水溶盐含量与其电导率的关系[J]. 干旱地区农业研究, 2010, 28(1): 111–116. [He Wenshou, Liu Yangchun, He Jinyu. Relationships between soluble salt content and electrical conductivity of different types of salt-affected soils in Ningxia[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2010, 28(1): 111–116.]

[22] Rodrigo A, Avila A. Influence of sampling size in the estimation of mean throughfall in two Mediterranean holm oak forests[J]. Journal of Hydrology, 2001, 243(3–4): 216–227.

[23] Wang Y, Jiao P, Guo W, et al. Changes in bulk and rhizosphere soil microbial diversity and composition along an age gradient of Chinese Fir (*Cunninghamia lanceolate*) plantations in subtropical China[J]. Front Microbiol, 2021, 12(14): 777–862.

[24] 龚子同, 陈鸿昭, 杨帆, 等. 中亚干旱区土壤地球化学和环境[J]. 干旱区研究, 2017, 34(1): 1–9. [Gong Zitong, Chen Hongzhao, Yang Fan, et al. Pedogechemistry and environment of aridisol regions in Central Asia[J]. Arid Zone Research, 2017, 34(1): 1–9.]

[25] 程维明, 柴慧霞, 周成虎, 等. 新疆地貌空间分布格局分析[J]. 地理研究, 2009, 28(5): 1157–1169. [Cheng Weiming, Chai Huixia, Zhou Chenghu, et al. The spatial distribution patterns of digital geomorphology in Xinjiang[J]. Geographical Research, 2009, 28(5): 1157–1169.]

[26] 刘茜雅, 王海兵, 左合君, 等. 苏宏图戈壁沉积物分形空间变异性及其成因[J]. 干旱区地理, 2021, 44(1): 168–177. [Liu Qianya, Wang Haibing, Zuo Hejun, et al. Fractal spatial variability and its genesis of sediments in Suhongtu Gobi[J]. Arid Land Geography, 2021, 44(1): 168–177.]

[27] Shi X, Wang H, Song J, et al. Impact of saline soil improvement measures on salt content in the abandonment-reclamation process [J]. Soil and Tillage Research, 2021, 208: 104867.

[28] 王世明, 范敬龙, 赵英, 等. 咸水灌溉条件下塔里木河下游沙漠土壤水盐运移数值模拟[J]. 干旱区地理, 2021, 44(4): 1104–1113. [Wang Shiming, Fan Jinglong, Zhao Ying, et al. Numerical simulation of water and salt migration in desert of the lower reaches of Tarim River under saline water irrigation[J]. Arid Land Geography, 2021, 44(4): 1104–1113.]

[29] 王雪梅, 柴仲平, 武红旗. 典型干旱荒漠绿洲区耕层土壤养分空间变异[J]. 水土保持通报, 2016, 36(1): 51–56. [Wang Xuemei, Chai Zhongping, Wu Hongqi. Spatial variation of soil nutrients in arable layer in typical arid desert oasis area[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2016, 36(1): 51–56.]

[30] 周倩倩, 丁建丽, 唐梦迎, 等. 干旱区典型绿洲土壤有机质的反演及影响因素研究[J]. 土壤学报, 2018, 55(2): 313–324. [Zhou Qianqian, Ding Jianli, Tang Mengying, et al. Inversion of soil organic matter content in oasis typical of arid areas and its influences factors[J]. Acta Pedologica Sinica, 2018, 55(2): 313–324.]

[31] 罗万银, 董治宝, 钱广强, 等. 戈壁表层沉积物地球化学元素组成及其沉积意义[J]. 中国沙漠, 2014, 34(6): 1441–1453. [Luo Wanyin, Dong Zhibao, Qian Guangqiang, et al. Geochemical compositions of surface sediments in Gobi desert in northern China and its sedimentary significance[J]. Journal of Desert Research, 2014, 34(6): 1441–1453.]

[32] 陈新邦, 唐光木, 张云舒, 等. 不同类型外源碳添加对灰漠土土壤碳储量的影响[J]. 水土保持学报, 2023, 37(3): 330–335. [Chen Xinbang, Tang Guangmu, Zhang Yunshu, et al. Effects of different types of exogenous carbon addition on soil carbon storage in grey desert soil[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2023, 37(3): 330–335.]

[33] Sparks D L, Singh B, Siebecker M G. Environmental Soil Chemistry[M]. Netherlands: Elsevier, 2022.

[34] 高玉峰, 贺字典. 影响土壤真菌多样性的土壤因素[J]. 中国农学通报, 2010, 26(10): 177–181. [Gao Yufeng, He Zidian. Study on soil effect factors to fungal diversity in Hebei Province[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(10) : 177–181.]

[35] 肖方南, 姜梦, 李媛媛, 等. 塔里木河下游柽柳灌丛土壤真菌群落结构及多样性分析[J]. 干旱区地理, 2021, 44(3): 759–768. [Xiao Fangnan, Jiang Meng, Li Yuanyuan, et al. Community structure and diversity of soil fungi in *Tamarix ramosissima* shrubs in the lower reaches of Tarim River[J]. Arid Land Geography, 2021, 44(3): 759–768.]

[36] Liu B, Hu Y, Wang Y, et al. Effects of saline-alkali stress on bacterial and fungal community diversity in *Leymus chinensis* rhizosphere soil[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022, 29(46): 70000–70013.

[37] 郭成瑾, 张丽荣, 沈瑞清, 等. 宁夏境内腾格里沙漠固沙植物根际土壤真菌多样性研究[J]. 菌物学报, 2017, 36(5): 552–562. [Guo Chengjin, Zhang Lirong, Shen Ruiqing, et al. Diversity of rhizosphere soil fungi in sand-fixation plants in Tengger Desert in Ningxia Autonomous Region[J]. Mycosystema, 2017, 36(5): 552–562.]

[38] Papizadeh M, Wijayawardene N N, Amoozegar M A, et al. *Neocamarosporium jorjanensis*, *N. persepolisi*, and *N. solicola* spp. nov. (Neocamarosporiaceae, Pleosporales) isolated from saline lakes of Iran indicate the possible halotolerant nature for the genus[J]. Mycological Progress, 2018, 17(25): 661–679.

[39] 唐琦勇, 朱静, 楚敏, 等. 北疆盐角草内生真菌群落组成和分布[J]. 干旱区资源与环境, 2021, 35(5): 137–143. [Tang Qiyong, Zhu Jing, Chu Min, et al. Community composition and distribution of endophytic fungi in *Salicornia europaea* from the northern Xinjiang[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2021, 35 (5): 137–143.]

Characteristics of soil properties and fungal community changes in different microgeomorphic units in an arid gravel desert area

DU Huadong[1,2], LIU Yan[1], BI Yinli[2], CHE Xuxi[1], BAI Mengtong[3]

(1. College of Geology & Environment, Xi'an University of Science and Technology, Xi'an 710054, Shaanxi, China; 2. Western Mine Ecological Environment Rehabilitation Research Institute, Xi'an University of Science and Technology, Xi'an 710054, Shaanxi, China; 3. China Communications Construction Company Second Highway Engineering Bureau Third Engineering Co., Ltd., Xi'an 710000, Shaanxi, China)

Abstract: Exploring the characteristics of soil properties, fungal communities, and their driving factors in different microgeomorphic units in arid gravel desert areas is important for the study of fungal community construction mechanisms and practical guidance for targeted ecological damage restoration strategies. In this paper, the changes in soil physicochemical properties, fungal *α* diversity, and community composition of four microgeomorphic units (wind erosion residual hills, gravel desert Gobi, river valley, and wind sand land) in an arid gravel desert area were compared. The main factors affecting soil fungal communities in different microgeomorphological units in gravel desert areas were explored by combining plant characteristics and micrometeorological factors. Results showed that the soil in the arid gravel desert area was dominated by sandy soil, and wind sand land had the largest sandy content and the smallest clay content, which was contrary to the soil mechanical composition of the river valley. No significant difference in soil bulk density and organic matter content was found between the river valley and the gravel desert Gobi, but their soil bulk density and organic matter content were significantly higher than those of the other two microgeomorphic units. However, the soluble salt content of the river valley was 21.4%, which was significantly lower than that in other microgeomorphic units, but the soil water content was significantly higher by 39.3%. Except for the contents of available N, available K and available P in the gravel desert Gobi and wind erosion residual hills, no significant difference in the available nutrients was found in other microgeomorphological units. In addition, the α diversity of soil fungi, Shannon-Wiener index, Pieloue index, and Simpson index all showed a significant decrease in wind sand land, whereas no significant difference in other microgeomorphological units was found. However, the Chao1 index has no significant difference. At the phylum level, the dominant fungi phyla were Ascomycota and Basidiomycota in different microgeomorphic units. Ascomycota has the largest dominance in the gravel desert Gobi and wind erosion residual hills, and Basidiomycota has the largest proportion in the river valley. At the genera level, *Neocamarosporium* and *Subramaniu* in the Wind erosion residual hill, *Preussia* and *Neocamarosporium* in the gravel desert Gobi, *Aspergillus* and *Alternaria* in the river valley, and *Trichophaeopsis* and *Neocamarosporium* in the wind sand land were the dominant genera of soil fungal communities in each geomorphic unit. Soil water content, organic matter, available N, and soluble salts were the common key factors affecting the changes in soil fungal community structure in different microgeomorphic units in an arid gravel desert area. Furthermore, the soil mechanical composition in wind sand land, surface temperature and light radiation intensity of wind erosion residual hills, surface wind speed of gravel desert Gobi, and surface vegetation biomass of river valley were the differentiated ecological factors affecting soil fungal community in each geomorphic unit.

Keywords: arid gravel desert area; microgeomorphic units; soil physicochemical properties; soil fungi community; ecological factors